

CORRELAÇÕES GENÉTICAS ENTRE CARACTERÍSTICAS RELACIONADAS À QUALIDADE DE CARÇAÇA, MEDIDAS *IN VIVO* POR ULTRASSONOGRRAFIA, E CARACTERÍSTICAS ASSOCIADAS À QUALIDADE ESPERMÁTICA EM TOUROS NELORE JOVENS

Claudio de Ulhôa Magnabosco¹, Marco Antônio de Oliveira Viu², Dyomar Toledo Lopes², Carina Ubirajara de Faria³, Henrique Trevizoli Ferraz⁴, Mariana Márcia Santos Mamede⁵

¹Pesquisador da Embrapa Cerrados/Arroz e Feijão, Planaltina-DF. E-mail: mclaudio@cpac.embrapa.br

²Prof. Adj. Curso de Medicina Veterinária/UFG/CAJ, Jataí-GO. E-mail: marcoviu@yahoo.com.br; dyomix@yahoo.com.br

³Prof^a. Adj. Depto. de Zootecnia/UFU, Uberlândia-MG. E-mail: carinauf@yahoo.com.br

⁴Pós-graduando em Ciência Animal/UFG, Goiânia-GO. E-mail: htferraz@gmail.com

⁵Pós-graduando em Ciência Animal/UFG, Goiânia-GO. E-mail: mmamede@cnpaf.embrapa.br

Resumo: Objetivou-se estimar parâmetros genéticos, utilizando a inferência bayesiana, para as características relacionadas à qualidade de carcaça (área de olho de lombo - AOL, espessura de gordura subcutânea - EG e espessura de gordura subcutânea na garupa - P8) e de características associadas à qualidade seminal (defeitos maiores - DMA, defeitos menores - DME e defeitos totais - DT). Submeteu-se à avaliação andrológica e mensuração das medidas de qualidade de carcaça, *in vivo* por ultrassonografia, 223 touros jovens da raça Nelore com idade média de 21 meses. As estimativas de herdabilidade para AOL, EG, P8, DMA, DME e DT foram 0,32; 0,28; 0,29; 0,33; 0,20; e 0,21, respectivamente. As correlações genéticas de DT com AOL, EG e P8 foram -0,46; -0,28; e -0,19, respectivamente. Os resultados demonstraram haver resposta correlacionada favorável entre as características reprodutivas e de carcaça estudadas, possibilitando progresso genético simultâneo. Porém, indicaram também haver grande influência ambiental sobre as mesmas.

Palavras-chave: andrologia, inferência bayesiana, zebuínos

GENETIC CORRELATIONS AMONG CHARACTERISTICS RELATED TO THE QUALITY OF CARCASS, MEASURED *IN VIVO* FOR ULTRASOUND SCAN, AND TRAITS ASSOCIATED TO SEMINAL QUALITY IN NELORE YOUNG BULLS

Abstract: This work aimed to estimate genetic parameters, using the bayesian inference, for the carcass traits (rib eye area - AOL, fat thickness - EG and rump fat thickness - P8) and some other traits associated to seminal quality (testicular larger defects - DMA, smaller defects - DME and total ones - DT). Were submitted, 223 Nelore males with average of 21 months, to breeding soundness examination and evaluation of the carcass through *in vivo* ultrasound scan. The heritability estimates for AOL, EG, P8, DMA, DME and DT were 0.32, 0.28, 0.29, 0.33, 0.20 e 0.21, respectively. The correlations between DT with AOL, EG e P8 were -0.46, -0.28 and -0.19, respectively. The results demonstrate that there is a favorable correlated response between reproductive and carcass traits studied, allowing simultaneous genetic progress. However, they also indicate major environmental influence on them.

Keywords: andrology, bayesian inference, zebu cattle

Introdução

No ano de 2003 o Brasil fechou o ano como maior exportador de carne bovina do mundo, posição que ocupa até os dias atuais. No entanto, para que o país possa manter-se nessa posição, deverá melhorar tanto a produtividade do rebanho quanto a qualidade de seu produto, de forma a atender às exigências dos mercados consumidores.

Sabe-se que a reprodução é um dos fatores que mais afetam a produtividade do rebanho. Os aspectos reprodutivos dos machos, entre eles a qualidade seminal, têm ainda mais importância,

visto que cada reprodutor transfere 50% do seu material genético a um número muito grande de matrizes.

Ao se tratar de melhoria de qualidade da carne, se tem hoje em mãos uma ferramenta muito útil: a ultrassonografia de carcaça. Essa tecnologia permite estimar, com precisão, em animais vivos, a composição da carcaça.

Observando a exigência dos consumidores atuais, fica evidente a necessidade de selecionar animais para precocidade sexual e também para qualidade de carcaça.

Diante do exposto, objetivou-se verificar a existência de associações genéticas entre características de carcaça, obtidas *in vivo* por ultrassonografia, e características andrológicas obtidas por meio de avaliações andrológicas, em touros Nelore jovens.

Material e Métodos

Neste estudo, 223 touros jovens com idade entre 17 e 24 meses de idade foram submetidos a exame clínico geral e do sistema reprodutor. Realizou-se a avaliação da morfologia espermática, agrupando-se as patologias em defeitos maiores (DMA), defeitos menores (DME) e defeitos totais (DT), segundo preconizado pelo Colégio Brasileiro de Reprodução Animal.

As medidas de qualidade de carcaça área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EG) e espessura de gordura subcutânea na garupa (P8) foram obtidas segundo preconizado por Dibiasi (2006). As leituras ultrassonográficas foram realizadas com aparelho Aloka 500V, com um transdutor linear de 3,5 MHz com 17,2 cm, foram digitalizadas e armazenadas por meio de um sistema de captura de imagem (Blackcox, Biotronics, Ames, IA, EUA).

A estruturação dos arquivos de dados foi realizada com a utilização do programa Statistical Analysis System.

Na estimação dos parâmetros genéticos, utilizou-se a inferência bayesiana por meio do software THRGIBBS1F90 (TSURUTA & MIZTAL, 2006), sob modelo animal. Considerou-se como efeitos fixos o grupo de contemporâneos e o ano de coleta, além da idade do animal no momento da coleta como covariável. O modelo completo pode ser representado em notação matricial como: $y = X\beta + Z_1a + e$ em que 'y' é o vetor das observações (características andrológicas e de carcaça), ' β ' é o vetor dos efeitos fixos, 'a' é o vetor dos efeitos aleatórios residuais que representam os valores genéticos aditivos diretos de cada animal, 'e' o vetor de efeitos aleatórios, 'X' e 'Z₁' são as matrizes de incidência que relacionam as observações aos efeitos fixos, aos efeitos aleatório genético aditivo direto e aleatório residuais, respectivamente.

As características foram analisadas de forma univariada com intuito de obter as estimativas de componentes de variância e, posteriormente, de forma bivariada, obtendo-se, assim as variâncias e covariâncias, as correlações genéticas aditivas e as herdabilidades das características em estudo.

Na implementação da Amostragem de Gibbs foi utilizado um tamanho de cadeia inicial de 1.000.000 de ciclos, sendo que os primeiros 300.000 ciclos foram descartados e as amostras retiradas a cada 1.000 ciclos, totalizando 700 amostras iniciais.

Neste estudo, para o parâmetro v, que corresponde ao grau de liberdade da distribuição Wishart Invertida indicando o grau de confiabilidade da distribuição inicial, foi de valor zero, ou seja, não refletia nenhum grau de conhecimento sobre os parâmetros.

O erro de Monte Carlo, de grande utilidade para garantir a convergência das cadeias de Monte Carlo, foi estimado calculando a raiz da variância das amostras retiradas para cada componente de (co)variância e dividindo esta variância pelo número de amostras.

Resultados e Discussão

Os valores médios de DMA, DME, DT, AOL, EG e P8 foram 13,43±9,76%; 5,18±5,69%; 18,59±12,02%; 64,67±6,83 cm²; 2,02±1,02 mm; e 2,25±1,12 mm, respectivamente. A proporção de defeitos espermáticos foi próxima as descritas por outros autores que também trabalharam com animais da raça Nelore (SILVEIRA, 2004). Quanto às características relacionadas à qualidade da carcaça, ao consultar a literatura especializada percebe-se que estes valores oscilam bastante de

um estudo para outro, mesmo utilizando animais da mesma raça. Acredita-se que o principal motivo seja os mais diversos tipos de manejo e alimentação a que os animais são submetidos. As estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos para as características estudadas são apresentadas na Tabela 1. Observa-se que o Erro Padrão de Monte Carlo foi pequeno para todas as estimativas de herdabilidade, indicando que o tamanho da cadeia de Gibbs foi suficiente para obter estimativas precisas das médias das distribuições marginais posteriores.

Tabela 1. Médias posteriores das estimativas dos parâmetros genéticos para as características defeitos maiores (DMA), defeitos menores (DME), defeitos totais (DT), área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura (EG) e espessura de gordura subcutânea na garupa (P8).

Variáveis	σ_a^2	σ_e^2	σ_p^2	h^2	RC (95%)	EPMC
DEFMAI	34,10	67,09	101,20	0,33	0,01 a 0,89	0,0075
DEFMEN	6,87	26,92	33,79	0,20	0,00 a 0,68	0,0069
DEFTOT	32,11	120,26	152,37	0,21	0,00 a 0,70	0,0071
AOL	15,86	33,14	49,00	0,32	0,02 a 0,80	0,0080
EG	0,32	0,79	1,10	0,28	0,01 a 0,79	0,0081
P8	0,40	0,94	1,34	0,29	0,01 a 0,81	0,0082

σ_a^2 : variância genética aditiva; σ_e^2 : variância residual; σ_p^2 : variância fenotípica; h^2 : herdabilidade; RC (95%): Região de Credibilidade a 95%; EPMC: Erro Padrão de Monte Carlo

Os valores de herdabilidade para os defeitos espermáticos podem ser considerados de baixa a moderada magnitude. Estudos com inferência bayesiana utilizando o software THRGIBBS1F90 envolvendo essas características não foram encontradas na literatura consultada. No entanto, trabalhos utilizando outras metodologias resultaram valores superiores e inferiores aos obtidos no presente estudo (SILVEIRA, 2004). De maneira geral, as características de patologia espermática possuem baixa variância genética aditiva e as herdabilidades são consideradas de baixa a moderada magnitude, porém favoráveis. Sendo assim, o ganho genético por seleção seria lento, porém permanente e benéfico do ponto de vista econômico.

As estimativas de herdabilidade obtidas para as características relacionadas à qualidade da carcaça, medidas *in vivo* por ultrassonografia, foram consideradas de moderada magnitude e indicam que pode haver progresso genético ao aplicar a seleção para tais características.

Na literatura consultada valores próximos, menores e maiores foram encontrados (YOKOO et al., 2009). Acredita-se que isso ocorra devido a vários fatores, dentre eles os principais seriam: diferentes sistemas de produção, diferentes faixas etárias, existência de rebanhos com distinto potencial para acabamento de carcaça, diferenças entre equipamentos utilizados para obtenção das imagens, diversificado nível de experiência dos técnicos que capturam e processam as imagens e utilização de diferentes metodologias para tratamento das informações e obtenção dos parâmetros genéticos.

Apesar de tudo isso, os resultados indicam que é uma mensuração suficiente para a adequada avaliação das características e que a seleção direta para as mesmas pode resultar em carcaças mais musculosas e de melhor acabamento. O principal objetivo da ultrassonografia de carcaça é obter de uma forma rápida e barata, informações da carcaça que permitam a avaliação da composição corporal de animais vivos, e desta maneira subsidiar a seleção visando animais com carcaças uniformes e específicas para determinados mercados (TAROUÇO, 2004).

Na tabela 2, observa-se que as estimativas de correlação genética entre as características relacionadas à qualidade da carcaça, medidas *in vivo* por ultrassonografia (AOL, EG e P8), e as relacionadas à qualidade seminal de touros (DMA, DME e DT) foram todas negativas, podendo ser consideradas de baixa a moderada magnitude. Essa informação é de grande valia, pois indica que é possível, ao selecionar animais para qualidade de carcaça, obter melhoria também na função reprodutiva, expressa pela melhor qualidade do ejaculado.

Esse comportamento entre as características estudadas já era esperado, pois o colesterol, um tipo de lipídio, é precursor da testosterona, andrógeno que estimula o crescimento testicular e a produção de espermatozoides, justificando a melhoria da qualidade do ejaculado quando há aumento da EG e P8 (LEHNINGER, 1995).

Tabela 2. Correlações genéticas aditivas (diagonal superior) e Erro Padrão de Monte Carlo (diagonal inferior) entre perímetro escrotal (PE), peso testicular médio (VTM) e os defeitos maiores (DMA), menores (DME) e totais (DT), obtidas a partir de análises bayesianas bivariadas sob modelo animal.

Variáveis	AOL		EG		P8	
	r_g	EPMC	r_g	EPMC	r_g	EPMC
DMA	-0.18	0,0089	-0.09	0,0082	-0.06	0,0084
DME	-0.65	0,0063	-0.57	0,0081	-0.38	0,0079
DT	-0.46	0,0082	-0.28	0,0041	-0.19	0,0073

Foi possível perceber que tanto as características andrológicas quanto as de carcaça avaliadas, possuem grande influência ambiental, demonstrada pelas estimativas de herdabilidade. Isso quer dizer que quando houver boas condições ambientais, principalmente oferta de forragem, os animais apresentarão maiores medidas de carcaça e também menor quantidade de defeitos espermáticos.

Conclusões

Os resultados obtidos neste estudo demonstram haver resposta correlacionada favorável entre as características reprodutivas e de carcaça estudadas possibilitando progresso genético simultâneo para as mesmas. Porém, indicam também haver grande influência ambiental sobre as mesmas.

Referências Bibliográficas

DIBIASI, N.F. **Estudo do crescimento, avaliação visual, medidas por ultrassonografia e precocidade sexual em touros jovens pertencentes a vinte e uma raças com aptidão para corte.** 2006. 94p. Tese (Doutorado em Zootecnia), Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal.

LEHNINGER, A. L.; NELSON, D. L.; COX, M. M. **Princípios de Bioquímica.** São Paulo: Sarvier; 1995.

SILVEIRA, T. S. **Estádio de maturidade sexual e estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos de características reprodutivas e ponderais, em touros da raça Nelore.** 2004, 137p. Tese (Doutorado). Universidade Federal de Viçosa - UFV. Viçosa - Minas Gerais.

TAROUÇO, J. **A história do ultra-som no Brasil.** In: 1º Workshop de ultrassonografia para avaliação de carcaça bovina. Pirassununga – SP. 2004.

TSURUTA, S.; MIZTAL, I. THRGIBBS1F90 for estimation of variance components with threshold and linear models. In: PROC. 8th WORLD CONGR. GENET. APPL., 2006. **Proceedings...** Livestock Production, 2006, p. 253.

YOKOO, M.J.I.; WERNECK, J.N.; PEREIRA, M.C. et al. Correlações genéticas entre escores visuais e características de carcaça medidas por ultrassom em bovinos de corte. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.44, n.2, p.197-202, 2009.